



## Ny matematisk formel erstatter dyrt måleudstyr og booster eksperimenter

Mortensen, Kim; Vestergaard, Christian ; Flyvbjerg, Henrik

*Publication date:*  
2015

*Document Version*  
Peer reviewed version

[Link back to DTU Orbit](#)

*Citation (APA):*  
Mortensen, K., Vestergaard, C., & Flyvbjerg, H. (2015). Ny matematisk formel erstatter dyrt måleudstyr og booster eksperimenter.

---

### General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

## Ny matematisk formel erstatter dyrt måleudstyr og booster eksperimenter

Af: Kim Mortensen, Ph.D., Institut for Mikro- og Nanoteknologi, Danmarks Tekniske Universitet, Christian Vestergaard, postdoc, Center for Teoretisk Fysik, Aix-Marseille Université, Henrik Flyvbjerg, lektor, Institut for Mikro- og Nanoteknologi, Danmarks Tekniske Universitet  
13. september 2015 kl. 17:13

**I et samarbejde mellem udenlandske og danske forskere er det lykkedes at forsimple dyrt måleudstyr på laboratorierne - ved hjælp af matematik.**

Liv er bevægelse. Næsten al bevægelse i levende organismer drives af små motorer. Den enkelte motor består kun af ét molekyle, et protein der er cirka 10 nanometer eller 1/100.000 millimeter stort.

Vores muskler er for eksempel opbygget af muskelceller, som indeholder masser af disse molekyler, arrangeret i et sindrigt samarbejde.

Det gælder også hjertet, som slår 90.000 gange i døgnet fra fødsel til død, helst uden afbrydelser. Det venstre hjertekammer, som pumper iltet blod ud i kroppen ved at trække sig sammen, får primært sin sammentrækningskraft fra ét bestemt molekyle. **Human beta-cardiac myosin II** er den tekniske betegnelse.

Der kendes over 300 arvelige mutationer i dette molekyle, og de er hovedansvarlige for pludseligt hjertestop og dødsfald hos personer under 35 år. Men selvom man kender disse mutationer, kender man ikke mekanikken i molekylet, der får det til at svigte.

For det man kender, når man kender en mutation, er en ændring i den genetiske kode hos individet, der bærer mutationen. Men da vi ikke ved, hvordan koden oversættes til en færdigbygget motor, kender vi ikke mekanikken.

Mekanikken er ellers af interesse, for man kan designe små molekyler, som binder sig til sådan et motor-molekyle på udvalgte steder. Så kender man mekanikken, og hvad det svage punkt er i en mutant, kan man måske også designe en lappeløsning.

Helbredelse er jo umulig, og vil man være kynisk, så har man altså medicinalindustriens ideelle kunde: uhelbredelig, men trofast - på livstid!

**Så hurtige målinger, at man får rigelige resultater**

For at lave sådan en lappeløsning, behøver man ikke løse det store problem om, hvordan den genetiske kode oversættes til et færdigbygget protein. Langt mindre kan gøre det.

Man kan nemlig fremstille hver type muteret motor-protein ved at splejse dets genetiske kode ind i bakteriers DNA, dyrke sådanne bakterier, høste det muterede protein og studere dets mekaniske egenskaber i laboratoriet:

Man måler, hvor hurtigt motoren går (Ja, den går, den kører ikke) under forskellige belastninger, helt som man ville karakterisere enhver anden motor. Dette program kræver bedre måleudstyr, end man havde indtil for nylig.

Men i et samarbejde mellem et team i [Spudich Lab](#) ved Stanford School of Medicine og os teoretiske biofysikere på DTUs Institut for Mikro- og Nanoteknologi er det nu lykkedes at forsimple det eksisterende udstyr, så det kan måle så hurtigt, at man kan nå at få rigelige resultater for et enkelt motor-protein, inden det 'dør', dvs. denaturerer.

Denne mulighed for at få resultater for det enkelte molekyle er afgørende for at opnå den præcision, som er nødvendig for at kunne skelne mutanters mekaniske opførsel fra sunde motor-molekylers opførsel, og dette er udgangspunktet for at forstå forskellene i deres mekanik.

Vores kolleger på Stanford har nu planlagt et større måleprogram for disse interessante mutanter.

## En matematisk formel erstatter udstyr

Mere specifikt, så gik det op for os, at noget af det udstyr, folk bruger i denne slags eksperimenter, spidst sagt tjener til at forsimple måleprocessen så meget, at resultaterne kan behandles med de fire regnearter. Det sinker måleprocessen en del.

Vi udledte en matematisk formel som én gang for alle erstatter dette udstyr. Det er i øvrigt dyrt udstyr, vi har gjort overflødigt, mens det, der er tilbage, er ret udbredt.

Så nu kan flere laboratorier lave denne type eksperimenter.

## Metoden forklares bedst med en analogi

Vi fandt også en bedre metode til at trække oplysninger ud af de eksperimentelle måledata.

Metoden forklares bedst med en analogi: Hvis man lytter til musik fra en radiostation, som sender udsendelsen både i FM og AM, og modtageforholdene er dårlige for begge kanaler, så bliver musikken ikke bedre af, at man bruger to radioer og samtidig lytter til udsendelsen i både AM og FM.

Men hvis man sender begge lydsignaler igennem en computer, som sammenligner dem og udnytter, at radiostøj og musik har forskellige, men kendte, statistiske egenskaber, så kan man få et meget bedre kombineret signal ud af computeren, næsten rensat for støj.

Dette benyttede vi os af - i al beskedenhed, for det var ikke musik, vi skulle rense for støj, men bare en enkelt tone, så at sige. Til gengæld skulle den renses bedst muligt, overhovedet.

eksperimenter

© Ophavsretten tilhører Videnskab.dk